

Géo-métagénomique

Déchiffrer la biodiversité spatiale des phytovirus associés à des agro-écosystèmes tropicaux et méditerranéens

Emmanuel Fernandez, Serge Galzi, Denis Filloux, Jean-Claude Girard, Darren P. Martin et Philippe Roumagnac

Objectifs scientifiques

La génomique et la génétique des populations bactériennes et virales ont été récemment révolutionnées par l'apport d'un nouveau concept scientifique, le **métagénome**, et une amélioration continue et rapide des nouvelles techniques de séquençage, dites de "masse". La plupart des études actuelles, que nous qualifierons de **métagénomique de première génération**, se sont généralement focalisées sur une question principale : combien y a-t-il d'espèces et de gènes dans un écosystème donné ? Le lien entre ces inventaires et des questions ayant trait par exemple à la dynamique spatio-temporelle ou à l'évolution de la biodiversité ont cependant été plus rarement abordées. L'objectif de ce **projet de « métagénomique de deuxième génération »** sera d'essayer de mieux **comprendre le lien entre la biodiversité virale (plantes cultivées/sauvages) et la dynamique des populations des virus des plantes à l'échelle de l'agro-écosystème**

Démarche méthodologique

Que connaît-on vraiment ?

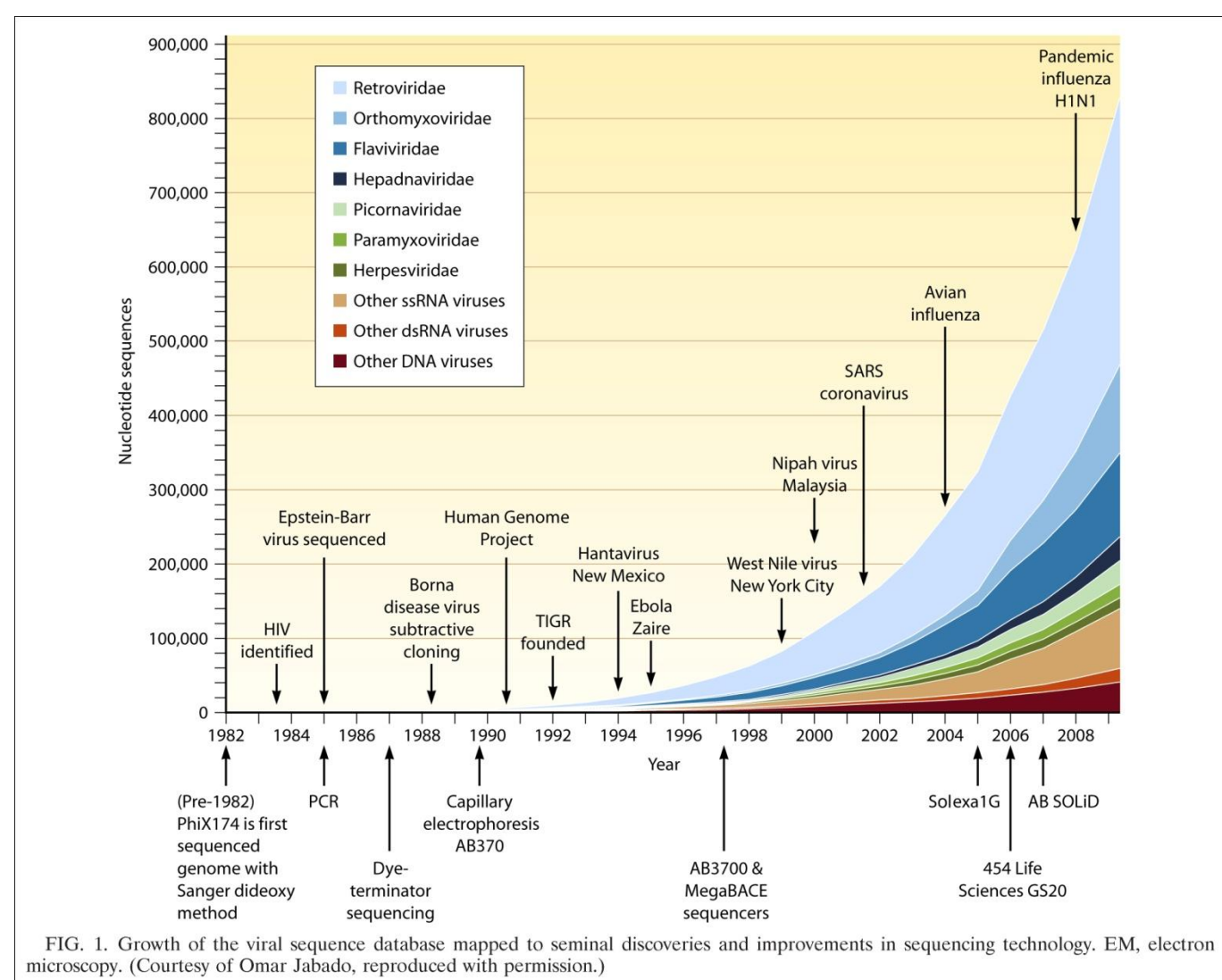


Figure tirée de l'article de Lipkin, Microbe hunting. (2010), *Microb. Mol. Biol. Reviews*, 74 (3): 363-77

Est-ce représentatif ?

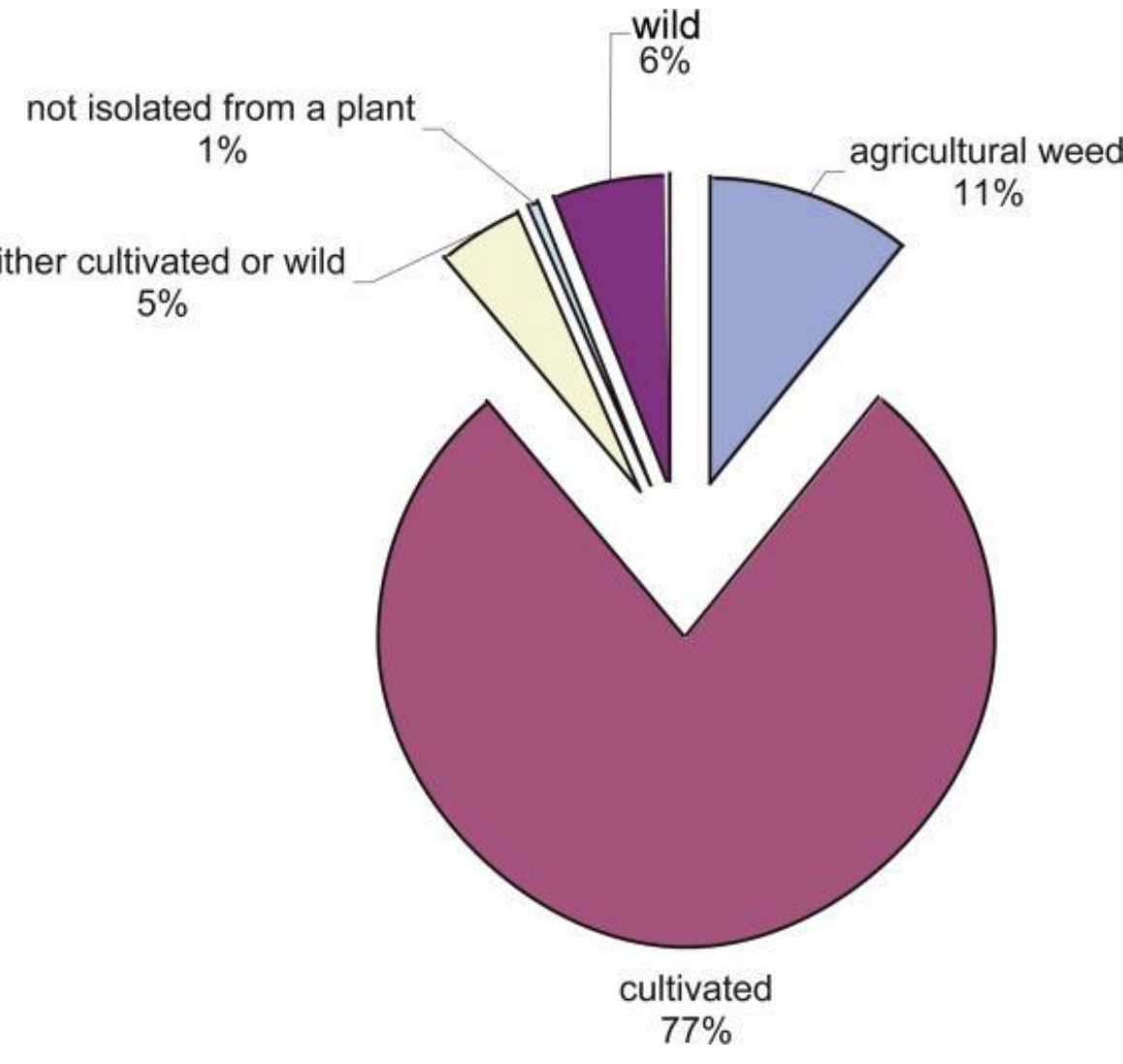


Figure tirée de l'article de Wren et al. Plant Virus Biodiversity and Ecology (2006), *PLoS Biol.* 4 (3): e80

Métagénome = Génome global,
Vers une « individualisation » des séquences ?



Couverture dessinée par Nik Spencer.
Nature Collections Metagenomics, 2006

Vers des approches « séquence-indépendantes étiquetées »

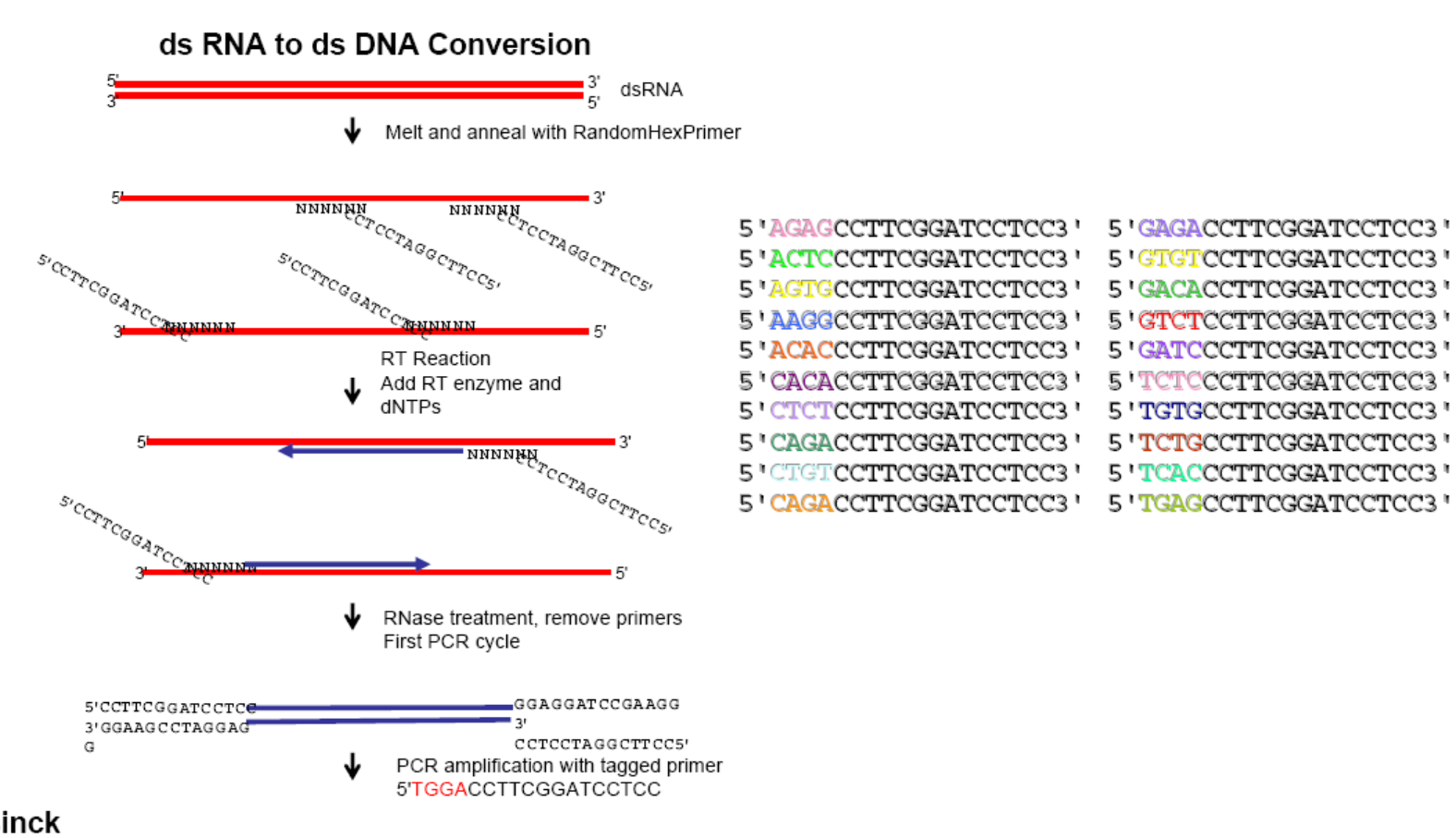


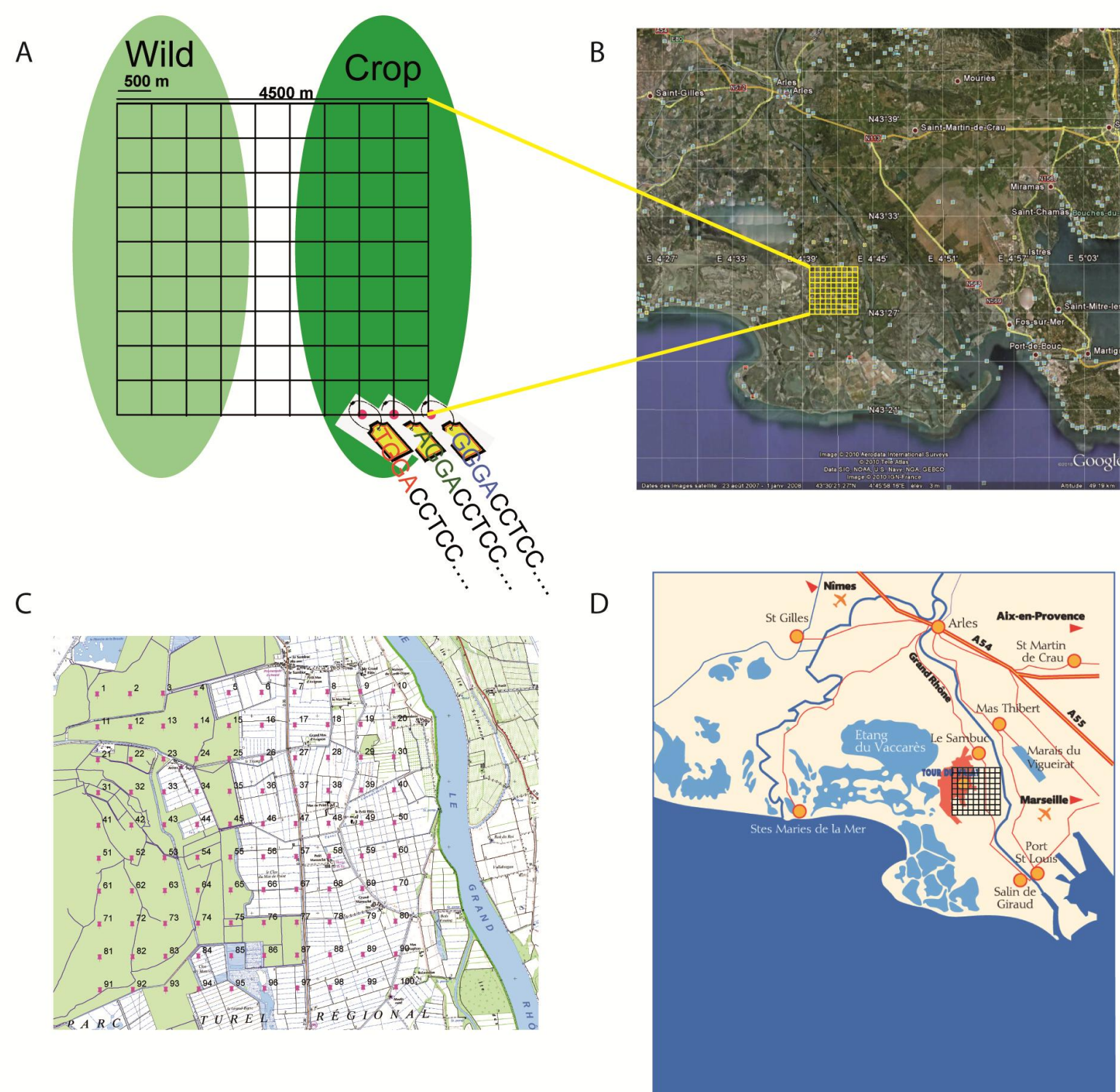
Figure tirée de l'article de Roossinck et al. 2010. Ecogenomics: Using massively parallel pyrosequencing to understand virus ecology. *Molecular Ecology*, 19 (1): 81-88

Ecosystèmes de référence

- Interface zones sauvages/cultivées
- Hot spots de biodiversité
- Climat méditerranéen
- Culture de céréales

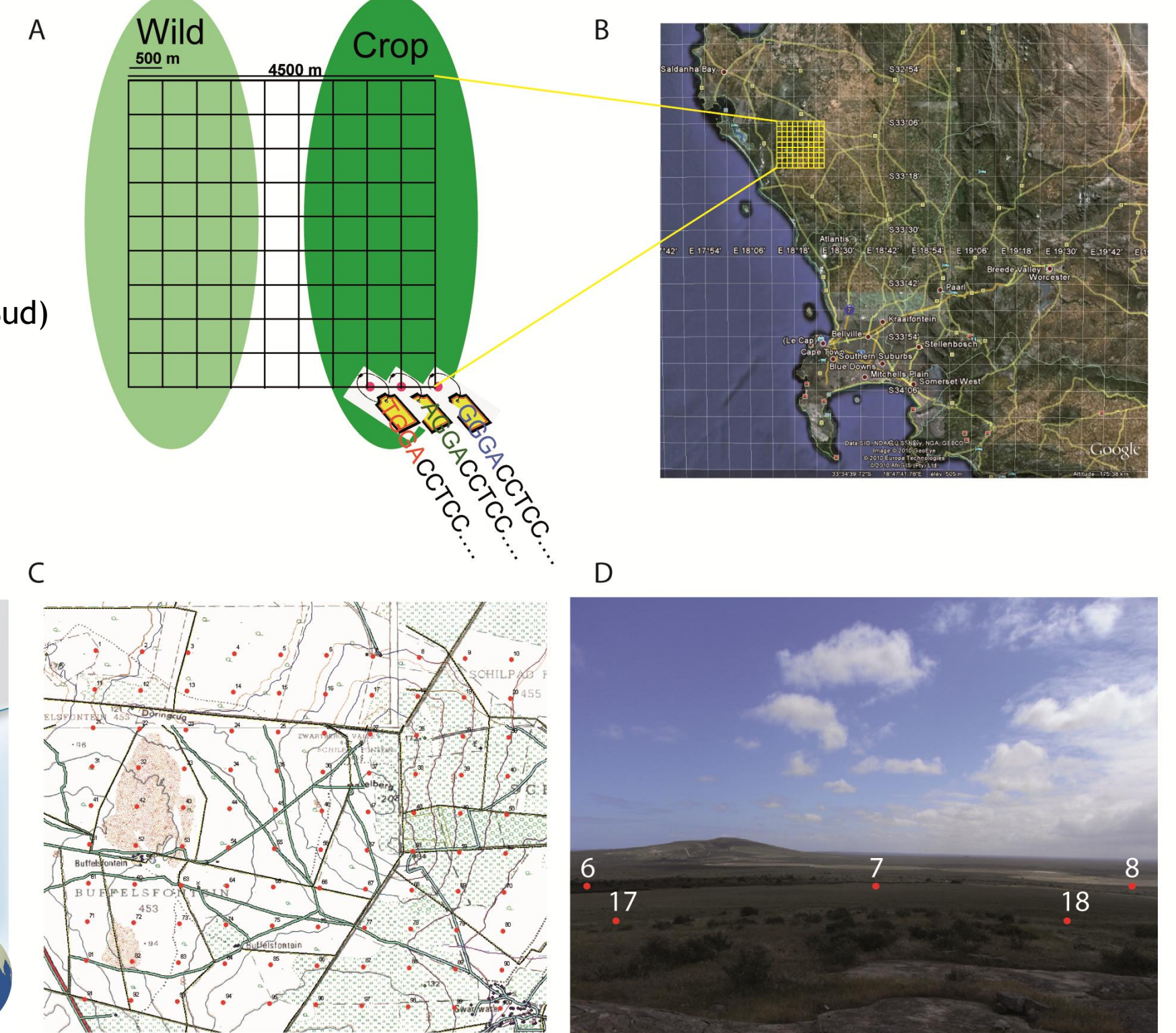
Camargue Bassin Méditerranéen

- Juin 2010
- 100 points (plantes)
- 28 points (insectes)
- 775 échantillons
- données climatiques
- identification botanique (Tour du Valat)
- identification des insectes (Muséum Paris)



Région florale du Cap

- Octobre 2010
- 100 points (insectes + plantes)
- 510 échantillons
- données climatiques
- identification botanique (Kirstenbosch, Af. Sud)
- identification des insectes (Muséum Paris)



Questions

- **Quelle diversité phytovirale ?**
 - virus à ARN et à ADN (circulaires)
- **Profils de ces diversités (phylogénie, démographie, analyses spatiales)**
 - 454-séquences et PCR spécifiques sur virus à ARN majoritaires + ssADN circulaires (génomés entiers)

Effets des contraintes écologiques ?

- zones sauvages, transitoires, agricoles
- feu
- ruminants
- plantes invasives

Quelle transmission virale ?

- insectes
- semences

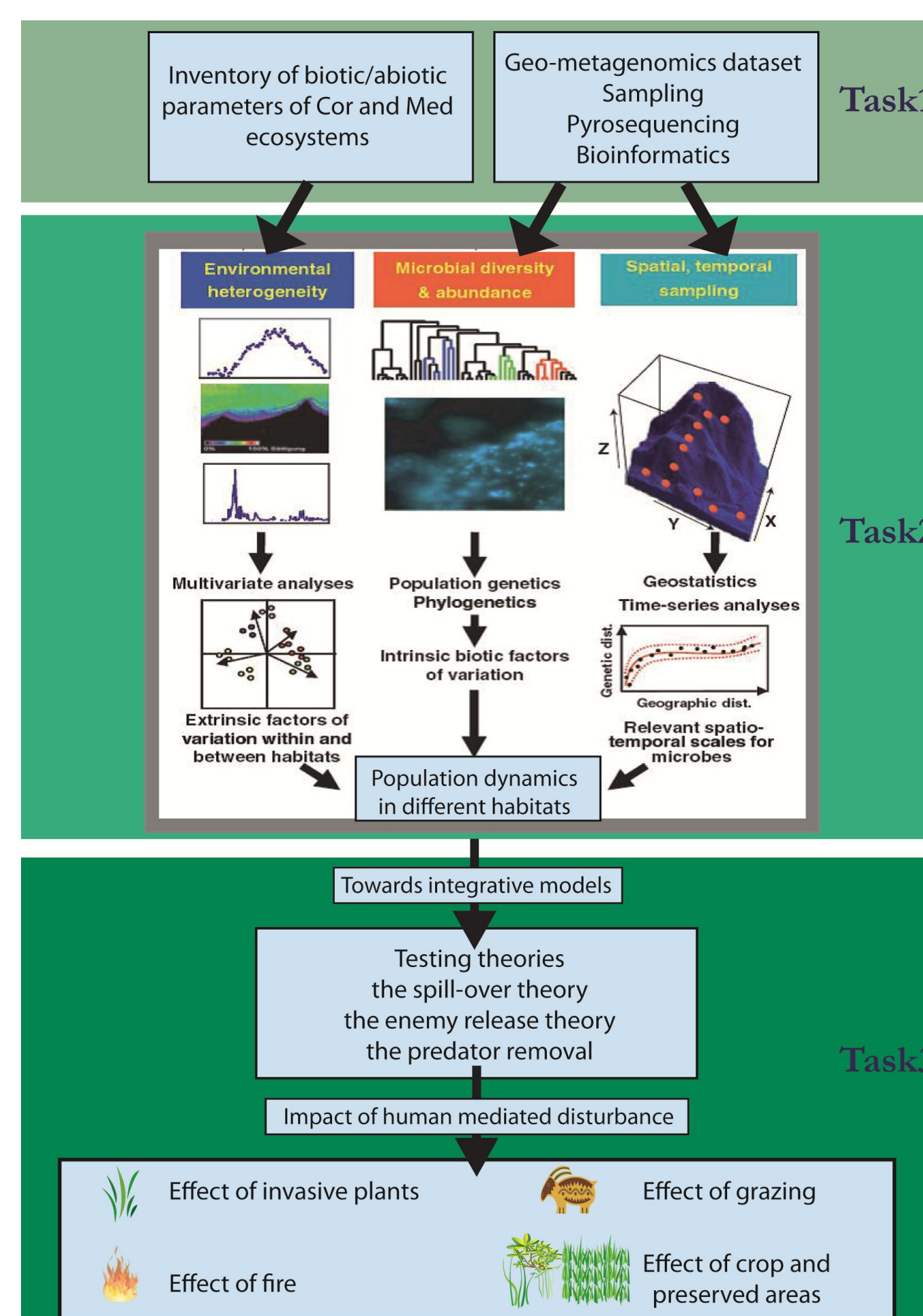


Figure tirée de l'article de Ramette & Tiedje. Biogeography: An Emerging Cornerstone for Understanding Prokaryotic Diversity, Ecology, and Evolution. (2007), *Microb. Ecol.* 53: 197-207



UMR - BGPI
Biologie et Génétique
des Interactions Plante-Parasite

SupAgro
Montpellier

INRA
cirad